

AAV TYPES 2 & 5 % INHIBITION + HEPARIN (20 μ g/ml)

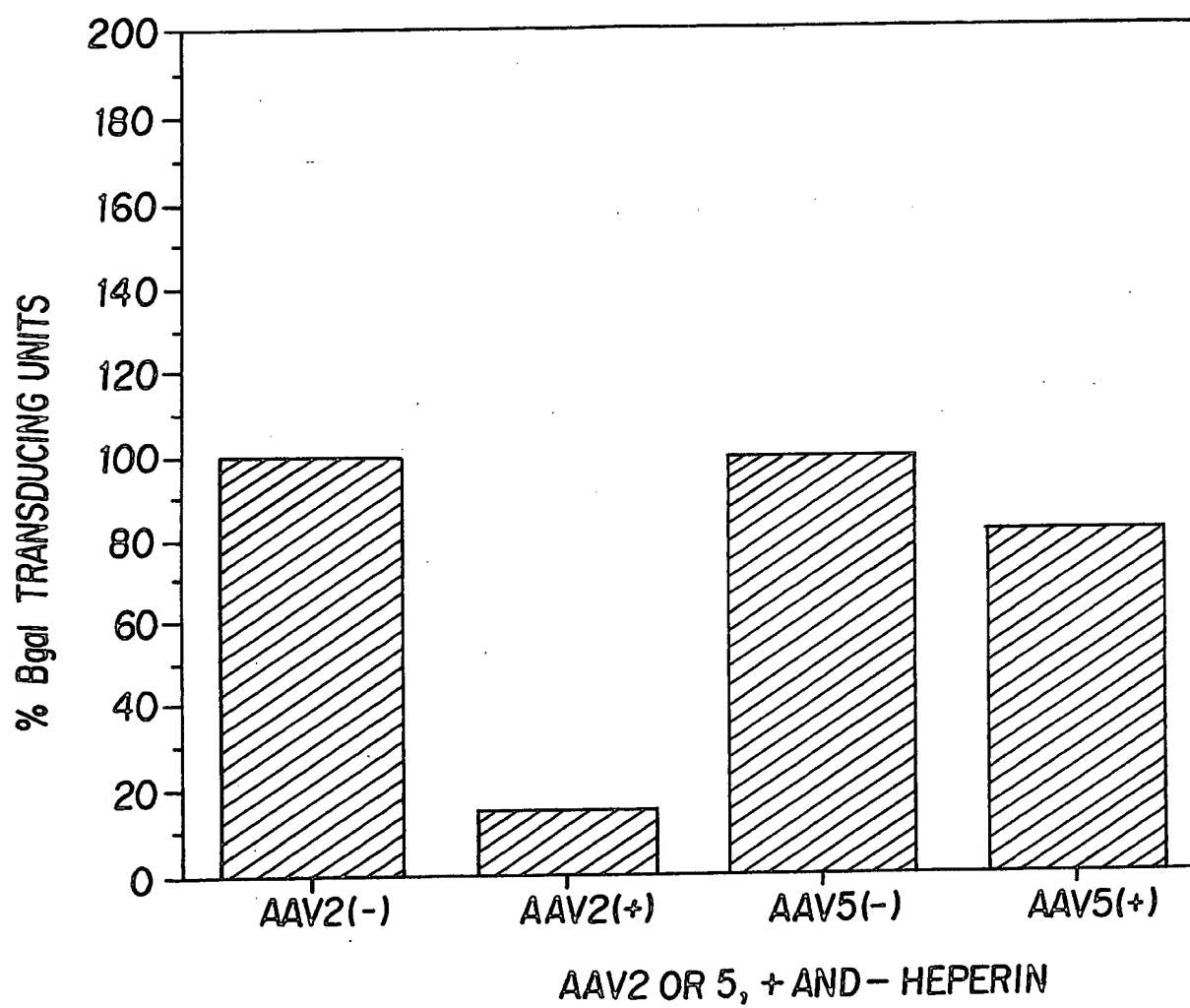


FIG. 1

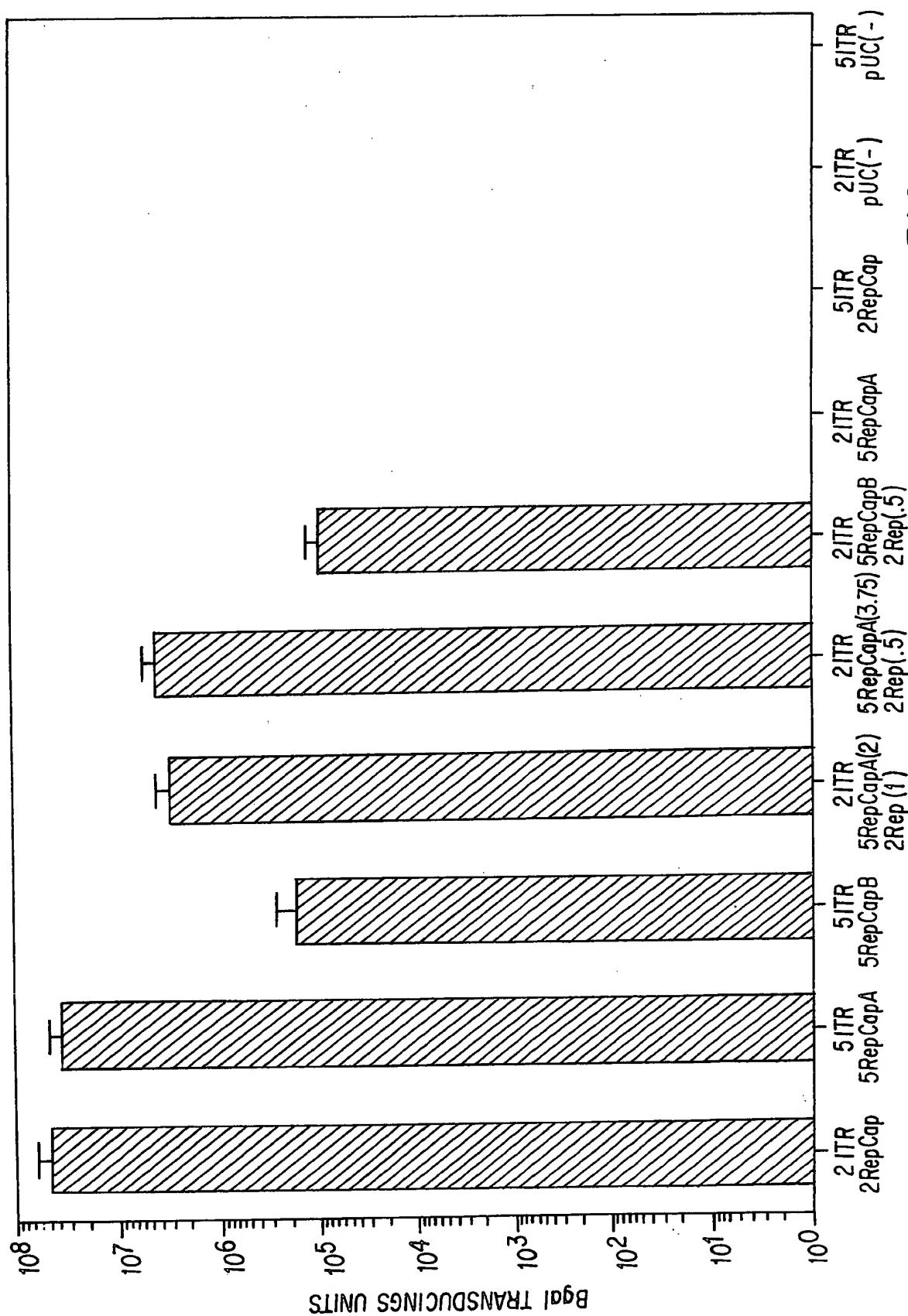


FIG. 2

AAV2.8.5 PLASMID COBINATIONS

001211" 68421260

AAV TYPES 2 & 5 TISSUE TROPISM

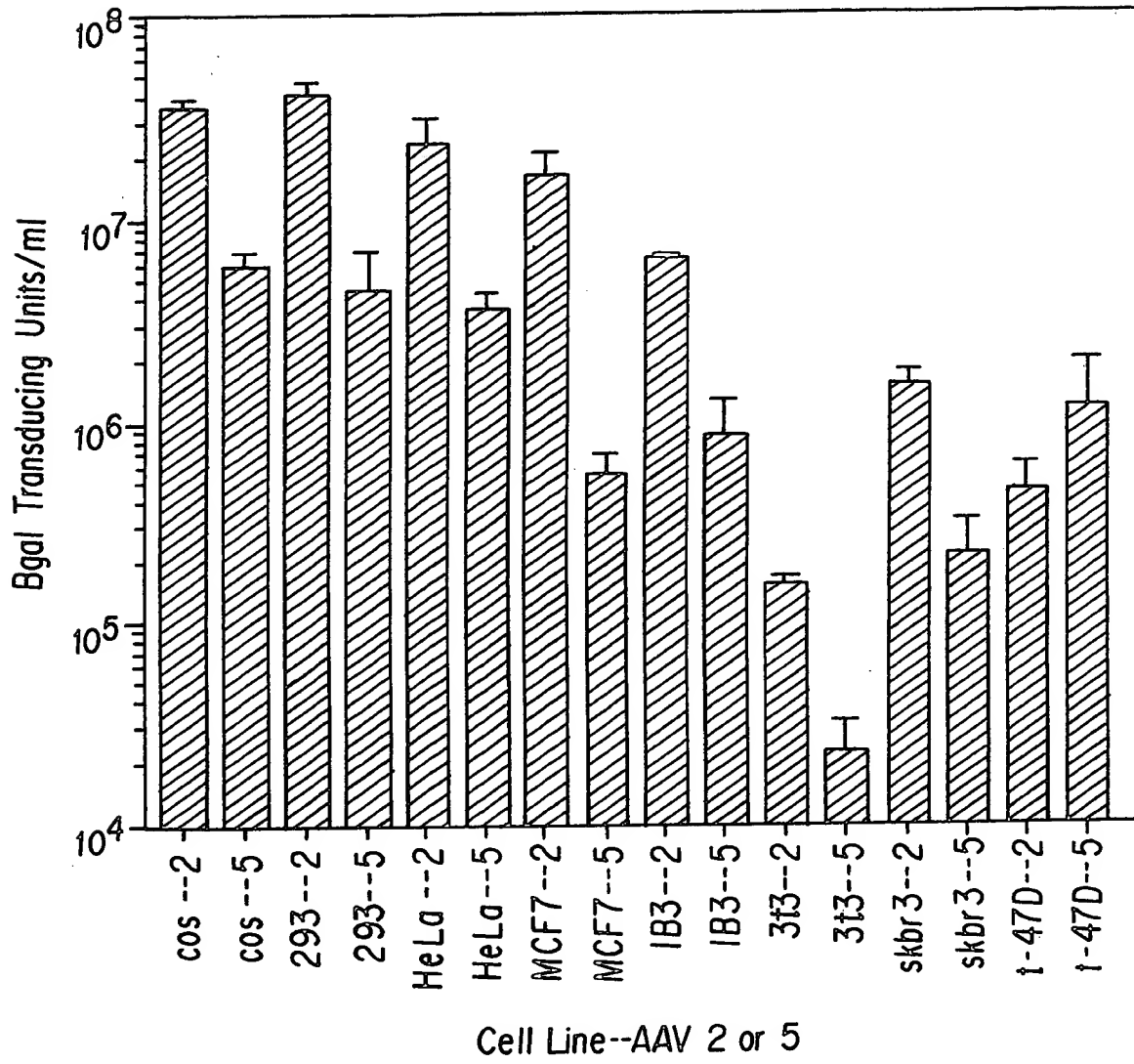


FIG. 3

 * ALIGNMENT OF TWO NUCLEOTIDE SEQUENCES. *

The two sequences to be aligned are:

AAV2CG.

Total number of bases: 4679.

AAV5CG.

Total number of bases: 4652.

Open gap cost : 10

Unit gap cost : 12

The character to show that two aligned residues are identical is ':'

```

AAV2CG  - TTGCCACTCCCTCTCTGCGCGCTCGCTCGCTCACTGA-----GGCCGGGCGA -48
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG  - TGGCACTCTCCCCCTGTGCGGTTGCTCGCTCGCTGGCTCGTTGGGGGGGTGG -55

AAV2CG  - C-----CAAAGGTC-GCCCCACGCCCGGGCTTTGCCCGG-GCGGCCTCA----- -90
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG  - CAGCTCAAAGAGCTGCCAGACGACGGCCCTCTGGCCGTCGCCCCCCTAAACGAGC -110

AAV2CG  - --GTGAGCGAGCGAGCGCG-CAGAGAGG-GAGTGGCCAACTCCATCACTAGGGGT -141
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG  - CAGCGAGCGAGCGAACGCGACAGCGGGGAGAGTGCCACACTCTCAAGCAAGGGGG -165

AAV2CG  - TCCTGGAGGG-GTGGAGTCGTGACG-TGAATTACGTCATAGGGTTAGGGAGGTCC -194
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG  - TTTTGTAAGCAGTGATGTCATAATGATGTAATGCTTATTGTCACGCCGATAGTTAA -220

AAV2CG  - TGTATTAGAGGTCACGTGA-GTGTTTTGCGACATTTTGGACACC-----ATGT -242
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG  - TG-ATTAACAGTCATGTGATGTGTTTTATCCAATAGGAAGAAAGCGCGGTATGA -274

AAV2CG  - GGTCACGCT-----GGGTATTTAAGCCCGAGTGAGCACGCAGGGTCTCCAT -288
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG  - GTTCTCGCGAGACTTCCGGGGTATAAAGACCGAGTGAACGAGCCCCG-CGCCAT -328

AAV2CG  - T-TTGAAGCGGGAG-GTTTGAACGCGCA-GCCGCCATGCCGGGGTTTTACGAGAT -340
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG  - TCTTTGCTCTGGACTGCTAGAGGACCTCGCTGCCATGGCTACCTTCTATGAAGT -383
  
```

FIG. 4A

09717789 112100

AAV2CG - TGTGATTAAGTCCCCAGCGACCTTGACGGGCATCTGCCCGCATTTCTGACAGC -395
:
AAV5CG - CATTGTTCCGCTCCCATTGACGTGGAGGAACATCTGCCTGGAATTTCTGACAGC -438

AAV2CG - TTTGTAACTGGGTGGCCGAGAAGGAATGGGAGTTGCCGCCAGATTCTGACATGG -450
:
AAV5CG - TTTGTGGACTGGGTAAC TGGTCAAATTTGGGAGCTGCCTCCAGAGTCAGATTTAA -493

AAV2CG - ATCTGAATCTGATTGAGCAGGCACCCCTGACCGTGGCCGAGAAGCTGCAGCGCGA -505
:
AAV5CG - ATTTGACTCTGGTTGAACAGCCTCAGTTGACGGTGGCTGATAGAATTCGCCGCGT -548

AAV2CG - CTTTCTGACGGAATGGCGCCGTGTGAGTAAGGCCCCGAGGCCCTTTTCTTTGTG -560
:
AAV5CG - GTTCCTGTACGAGTGGAACAAATTTCCAAG—CAGGAGTCCAAATTC TTTGTG -600

AAV2CG - CAATTTGAGAAGGGAGAGAGCTACTTCCACATGCACGTGCTCGTGGAACCACCG -615
:
AAV5CG - CAGTTTGAAAAGGGATCTGAATATTTTCATCTGCACACGCTTGTGGAGACCTCCG -655

AAV2CG - GGGTGAAATCCATGGTTTTGGGACGTTTCCTGAGTCAGATTCGCGAAAACTGAT -670
:
AAV5CG - GCATCTCTTCCATGGTCCTCGGCCGCTACGTGAGTCAGATTCGCGCCCAGCTGGT -710

AAV2CG - TCAGAGAATTTACCGCGGGATCGAGCCGACTTGGCCAACTGGTTGCGGGTCACA -725
:
AAV5CG - GAAAGTGGTCTTCCAGGAATTGAACCCAGATCAACGACTGGGTGCGCATCACC -765

AAV2CG - AAGACCAGAAATGGCGCCGGAGGCGGAACAAGGTGGTGGATGAGTGCTACATCC -780
:
AAV5CG - AAGGTAAGAAGGGC—GGAGCC—ATAAGGTGGTGGATTCTGGGTATATTC -814

AAV2CG - CCAATTACTTGCTCCCCAAAACCCAGCCTGAGCTCCAGTGGGCGTGACTAATAT -835
:
AAV5CG - CCGCCTACCTGCTGCCGAAGGTCCAACCGGAGCTTCAGTGGGCGTGACAAACCT -869

AAV2CG - GGAACAGTATTTAAGCGCCTGTTTGAATCTCACGGAGCGTAAACGGTTGGTGGCG -890
:
AAV5CG - GGACGAGTATAAATTGCGCCCGCTGAATCTGGAGGAGCGCAAACGGCTCGTCGCG -924

AAV2CG - CAGCATCTGACGCACGTGTGCGAGACGCAGGAGCAGAACAAAGAGAATCAGAATC -945
:
AAV5CG - CAGTTTCTGGCAGAATCCTCGCAG—CGCTCG—CAGGAGCGCGCTTCGACGCTG -976

FIG. 4B

AAV2CG - CCAATTCTGATGCGCCGGTGATCAGATCAAAACTTCAGCCAGGTACATGGAGCT -1000
 :: : : : : : : : : : : : : : : : :
 AAV5CG - AGTTCTCGGCTGACCCGGTCATCAAAAGCAAGACTTCCCAGAAATACATGGCGCT -1031
 AAV2CG - GGTCCGGTGGCTCGTGGACAAGGGGATTACCTCGGAGAAGCAGTGGATCCAGGAG -1055
 : : : : : : : : : : : : : : : : : :
 AAV5CG - CGTCAACTGGCTCGTGGAGCACGGCATCACTTCCGAGAAGCAGTGGATCCAGGAA -1086
 AAV2CG - GACCAGGCCTCATACATCTCCTTCAATGCGGCCTCCAACTCGCGGTCCCAAATCA -1110
 : : : : : : : : : : : : : : : : : :
 AAV5CG - AATCAGGAGAGCTACCTCTCCTTCAACTCCACCGCAACTCTCGGAGCCAGATCA -1141
 AAV2CG - AGGCTGCCTTGGACAATGCGGGAAGATTATGAGCCTGACTAAAACCGCCCCCGA -1165
 : : : : : : : : : : : : : : : : : :
 AAV5CG - AGGCCGCGCTCGACAACGCGACCAAAATTATGAGTCTGACAAAAAGCGCGGTGGA -1196
 AAV2CG - CTACCTGGTGGGCCAGCAGCCCGTG-GAGGACATTTCCAGCAATCGGATTTATAA -1219
 : : : : : : : : : : : : : : : : : :
 AAV5CG - CTACCTCGTGGGG-AGCTCCGTTCCCGAGGACATTTCAAAAAACAGAATCTGGCA -1250
 AAV2CG - AATTTTGGAACTAAACGGGTACGATCCCCAATATGCGGCTTCCGTCTTTCTGGGA -1274
 : : : : : : : : : : : : : : : : : :
 AAV5CG - AATTTTGGAGATGAATGGCTACGACCCGGCTACGCGGGATCCATCTCTACGGC -1305
 AAV2CG - TGGGCCACGAAAAAGTTCCGCAAGAGGAACACCATCTGGCTGTTGGGCCTGCAA -1329
 : : : : : : : : : : : : : : : : : :
 AAV5CG - TGGTGTCAGCGCTCCTTCAACAAGAGGAACACCGTCTGGCTCTACGGACCCGCCA -1360
 AAV2CG - CTACCGGAAGACCAACATCGCGGAGGCCATAGCCCACACTGTGCCCTTCTACGG -1384
 : : : : : : : : : : : : : : : : : :
 AAV5CG - CGACCGGAAGACCAACATCGCGGAGGCCATCGCCACACTGTGCCCTTTTACGG -1415
 AAV2CG - GTGCGTAACTGGACCAATGAGAACTTTCCCTTCAACGACTGTGTGACAAGATG -1439
 : : : : : : : : : : : : : : : : : :
 AAV5CG - CTGCGTGAACCTGGACCAATGAAACTTTCCCTTTAATGACTGTGTGGACAAAATG -1470
 AAV2CG - GTGATCTGGTGGGAGGAGGGGAAGATGACCGCCAAGGTCGTGGAGTCGGCCAAAG -1494
 : : : : : : : : : : : : : : : : : :
 AAV5CG - CTCATTTGGTGGGAGGAGGGAAAGATGACCAACAAGGTGGTTGAATCCGCCAAGG -1525
 AAV2CG - CCATTCTCGGAGGAAGCAAGGTGCGCGTGACCAGAAATGCAAGTCCTCGGCCCA -1549
 : : : : : : : : : : : : : : : : : :
 AAV5CG - CCATCCTGGGGGCTCAAAGTGCGGGTCGATCAGAAATGTAATCCTCTGTTCA -1580

FIG.4C

AAV2CG - GATAGACCCGACTCCCGTGATCGTCACCTCCAACACCAACATGTGCGCCGTGATT -1604
 :: :: : :: : : : : : : : : : : : : : : : : : :
 AAV5CG - AATTGATTCTACCCCTGTCAATTGTAACCTCCAATACAAACATGTGTGTGGTGGTG -1635
 AAV2CG - GACGGGAAGTCAACGACCTTCGAACACCAGCAGCCGTTGCAAGACCGGATGTTCA -1659
 ::
 AAV5CG - GATGGGAATTCCACGACCTTTGAACACCAGCAGCCGCTGGAGGACCGCATGTTCA -1690
 AAV2CG - AATTTGAACTACCCGCCGTCTGGATCATGACTTTGGGAAGGTCACCAAGCAGGA -1714
 ::
 AAV5CG - AATTTGAACTGACTAAGCGGCTCCCGCCAGATTTTGGCAAGATTACTAAGCAGGA -1745
 AAV2CG - AGTCAAAGACTTTTTCCGGTGGGCAAAGGATCACGTGGTTGAGGTGGAGCATGAA -1769
 ::
 AAV5CG - AGTCAAGGACTTTTTGCTTGGGCAAAGGTCAATCAGGTGCCGGTGACTCAGGAG -1800
 AAV2CG - TTCTACGTCAAAAAGGG—TGGAGCCAAGAAAAGACCCGCCCCCAGTGACGCAGA -1822
 ::
 AAV5CG - TTAAAGTTCCAGGGAATTGGCGGGAAGTAAAGGGGCG——GAGAAATCTC -1849
 AAV2CG - TATAAGTGAGCCCAAACGGGTGCGGAGTCAGTTGCGCAGCCATCGACGTCAGAC -1877
 ::
 AAV5CG - TAAAAC—GCCCACT—GGGTGA—CGTCACCAATACT—AGCTATAAAAGTCTGGA -1898
 AAV2CG - GCGGAAGCTTCGATCAACTACGCAGACAGGTACCAAAACAAAT—GTTCTCGTCAC -1931
 :
 AAV5CG - G—AAGC—GGGCCAGGCTCTCATTT—GTTCCCGAGACGCCTCCGAGTTTCAGAC -1947
 AAV2CG - GTGGGCATGAATCT—GATGCTGTTTCCCTGCAGACAATGCGAGAGAATGAATCAG -1985
 ::
 AAV5CG - GTGACTGTTGATCCCGCTCCTCTGCGACCGCTCA—ATTGGAATTCAAGGTAT—G -1999
 AAV2CG - AATTCAAATATCTGCTTCACTCACGGACAGAAAGACTGTTTAGAGTGCTTTCCCG -2040
 :
 AAV5CG - ATTGCAAATG—TGACT—A—TCATGCTCAATTGACA——ACATTTCTAACAAA -2046
 AAV2CG - TGTC—GAATCTCAACCGTTTCTGTCTCAAAAAGGC—GTATCAGAACTGTG -2092
 ::
 AAV5CG - TGTGATGAATGTGAATATTGAATCGGGGCAAAAATGGATGTATCTGTCACAATG -2101
 AAV2CG - CTACATTCA—TCATAT——CATGGGAAAGGTGCCAGACGCTTGCACTGCCTGCG -2142
 :
 AAV5CG - TAACTCACTGTCAAATTTGTATGGGATTCCCCCTGGGAAAGGAAACTTG— -2154
 AAV2CG - ATCTGGTCAATGTGGATTGGATGACTGCATCTTTGAACAATAAATGATTTAAAT -2197
 :
 AAV5CG - —TCAGATT—TGGGGATT—TGACGATGCCAATAAAGAACAGTAAATAAAGCGAGT -2207

FIG.4D

AAV2CG - CAGGTATGGCTGCCGATGGTTATCTTCCAGATTGGCTCGAGGACACTCTCTCTGA -2252
:: ::
AAV5CG - AGTCATGTCTTTTGTTGATCACCTCCAGATTGGTTGGAAGAAGTTGG—TGA -2258

AAV2CG - AGGAATAAGACAGTGGTGAAGCTCAAACCTGGCCCACCACCACCAAGCCCGCA -2307
::
AAV5CG - AGGTCTTCGCAGTTTTTGGGCCTTGAAGCGGGCCACCGAAACCAAAACCCAAT -2313

AAV2CG - GAGCGGCATAAGGACGACAGCAGGGTCTTGTGCTTCTGGGTACAAGTACCTCG -2362
::
AAV5CG - CAGCAGCATCAAGATCAAGCCCGTGGTCTTGTGCTGCCTGGTTATAACTATCTCG -2368

AAV2CG - GACCCTTCAACCGACTCGACAAGGGAGACCGGTCAACGAGGCAGACGCCGCGGC -2417
::::
AAV5CG - GACCCGGAACCGTCTCGATCGAGGAGACCTGTCAACAGGCAGACGAGGTCCG -2423

AAV2CG - CCTCGAGCAGACAAAAGCCTACGACCGGCAGCTCGACAGCGGAGACAACCCGTAC -2472
:
AAV5CG - GCGAGAGCAGCAGATCTCGTACAACGAGCAGCTTGAGGCGGGAGACAACCCCTAC -2478

AAV2CG - CTCAAGTACAACCACGCCGACCGGAGTTTCAGGAGCGCCTTAAGAAGATACGT -2527
:
AAV5CG - CTCAAGTACAACCACGCCGACCGGAGTTTCAGGAGAAGCTCGCCGACGACAT -2533

AAV2CG - CTTTTGGGGCAACCTCGGACGAGCAGTCTTCCAGGCGAAAAAGAGGGTTCTTGA -2582
:
AAV5CG - CCTTCGGGGCAACCTCGGAAAGGCAGTCTTTCAGGCCAAGAAAAGGGTTCTCGA -2588

AAV2CG - ACCTCTGGGCCTGGTTGAGAACCTGTTAAGACGGCTCCGGGAAAAAAGAGGCCG -2637
:
AAV5CG - ACCTTTTGGCCTGGTTGAAGAGGGTGCTAAGACGGCCCCCTACCGGAAAGCGGATA -2643

AAV2CG - GTAGAGCACTCTCTGTGGAGCCAGACTCCTCCTCGGGAACCGGAAAGCGGGCC -2692
:
AAV5CG - GACGACCACTTTCCAAAA-AGAAAGAAGGCTC—GGA-CCGAAGAGGACT-CC -2691

AAV2CG - AGCAGCTGCAAGAAAAAGATTGAATTTTGGTCAGACTGGAGACCGAG-ACTCAG -2746
:
AAV5CG - A-AGCCTTCCACC———TCGTCAGAC-GCCGAAGCTGGACCCAG -2729

AAV2CG - TACCTGACCCCCAGCCTCTCGGACAGCCACCAGCAGCCCCCTCTGGTCTGGGAAC -2801
:
AAV5CG —CGGATCCC-AGCAGCTGCAAATCCAGCCCAACCAGCCTCAAGTTTGGGAGC -2780

FIG.4E

AAV2CG - TAATACGATGGCTACAGGCAGTGGCCGCCAATGGCAGACAATAACGAGGGCGCC -2856
:
AAV5CG - TGATACAATGTCTGCGGGAGGTGGCGGCCCATTTGGGCGACAATAACCAAGGTGCC -2835

AAV2CG - GACCGAGTGGGTAATTCTCGGGAATTGGCATTGCCATTCCACATGGATGGGCG -2911
:
AAV5CG - GATGGAGTGGGCAATGCCTCGGGAGATTGGCATTGCCATTCCACGTGGATGGGGG -2890

AAV2CG - ACAGAGTCATCACACCAGCACCCGAACCTGGGCCCTGCCACCTACAACAACCA -2966
:
AAV5CG - ACAGAGTCGTACCAAGTCCACCCGAACCTGGGTGCTGCCCAGCTACAACAACCA -2945

AAV2CG - CCTCTACAAACAAATTTCCAGCCAATCAGGAGCCTCGA—ACGACAATCACTAC -3018
:
AAV5CG - CCAGTACCGAGAGATCAAAGCGGCTCCGTGACGGAAGCAACGCCAACGCCTAC -3000

AAV2CG - TTTGGCTACAGCACCCCCTTGCGGTATTTTGACTTCAACAGATTCCACTGCCACT -3073
:
AAV5CG - TTTGGATACAGCACCCCCTTGCGGTACTTTGACTTTAACCGCTTCCACAGCCACT -3055

AAV2CG - TTTCACCACGTGACTGGCAAAGACTCATCAACAACACTGGGGATTCCGACCCAA -3128
:
AAV5CG - GGAGCCCCGAGACTGGCAAAGACTCATCAACAACACTACTGGGGCTTCAGACCCCG -3110

AAV2CG - GAGACTCAACTTCAAGCTCTTTAACATTCAAGTCAAAGAGGTCACGCAGAATGAC -3183
:
AAV5CG - GTCCCTCAGAGTCAAATCTTCAACATTCAAGTCAAAGAGGTCACGGTGCAGGAC -3165

AAV2CG - GGTACGACGACGATTGCCAATAACCTTACCAGCACGTTTCAGGTGTTTACTGACT -3238
:
AAV5CG - TCCACCACCACCATCGCCAACAACCTCACCTCCACCGTCCAAGTGTTCAGGACG -3220

AAV2CG - CGGAGTACCAGTCCCGTACGTCCTCGGCTCGGCGCATCAAGGATGCCTCCCGCC -3293
:
AAV5CG - ACGACTACCAGTGCCCTACGTCGTCGCAACGGGACCGAGGGATGCCTGCCGGC -3275

AAV2CG - GTTCCCAGCAGACGTCTTCATGGTGCCACAGTATGGATACCTCACCTGAACAAC -3348
:
AAV5CG - CTTCCCTCCGACGTCTTACGCTGCCGAGTACGGTTACGCGACGTGAACCGC -3330

AAV2CG - GGGAGT-CAGGCAGTAGGAC—GCTCTTCA—TTTTACTGCCTGGAGTACTTTC -3397
:
AAV5CG - GACAACACAGAAAATCCCACCGAGAGGAGCAGCTTCTTCTGCCTAGAGTACTTTC -3385

FIG.4F

AAV2CG - CTTCTCAGATGCTGCGTACCGGAAACAAC TTTACCTTCAGCTACACTTTTGAGGA -3452
:
AAV5CG - CCAGCAAGATGCTGAGAACGGGCAACAAC TTTGAGTTTACCTACAAC TTTGAGGA -3440

AAV2CG - CGTTCC TTTCCACAGCAGCTACGCTCACAGCCAGAGTCTGGACCGTCTCATGAAT -3507
:
AAV5CG - GGTGCCCTTCCACTCCAGCTTCGCTCCCAGTCAGAACCTGTTCAAGCTGGCCAAC -3495

AAV2CG - CCTCTCATCGACCAGTACCTGTATTACTT—GAGCAGAACAAACACTC—— -3553
:
AAV5CG - CCGCTGGTGGACCAGTACTTGTACCGCTTCGTGAGCACAAATAACACTGGCGGAG -3550

AAV2CG - —CAAGTGAACCAACCAC—GCAGTCA-AGGCTTCAGTT—TTCTCAGGCCGGAG -3601
:
AAV5CG - TCCAGTTCAACAAGAACCTGGCCGGGAGATACGCCAACACCTACAAAAACTGGTT -3605

AAV2CG - CGAGTGACATTCGGGACCAGTCTAGGAAC TGGCTTCCTGGACCCTGTTACCGCCA -3656
:
AAV5CG - CCCGGGGCCCATGGGCCGAACCCAGGG-CTGGAA-CCTGGGCTCCGGGGTCAACC -3658

AAV2CG - GCAGCGAGTATCAAAGACATCTGCGGATAACAACAACAGTGAATACTCGTGGACT -3711
:
AAV5CG - GC-GCCAGTGTACGCGCCTTC-GCCACGACCAATAGGA-TGGAG-CTCGAGGGCG -3709

AAV2CG - GGAGCTACCAAGTACCACCTCAATGCCAGAGACTCTCTGGTGAATCCGGGCCCCG -3766
:
AAV5CG - CGAGTTACCAGGTGCCCCCGCA—GCCGA-ACGGCATGACCAACAACCTCCAGG -3760

AAV2CG - CCATGGCAAGCCACAAGGACGATGAAGAAAAGTTTTTCTCAGAGCGGGGTTCT -3821
:
AAV5CG - GCA—GCAA—CACCTATGCCCTGGAGAACACTATGATCTTCAA—CAG—C— -3804

AAV2CG - CATCTTTGGAAGCAAGGCTCAGAGAAAACAAATGTGGACATTGAAAAGGTCATG -3876
:
AAV5CG - CAGCCG-GCGAACCCGGGACCACCGCCACGTACCTCGAGGGCAACATGCTCATC -3858

AAV2CG - ATTACAGACGAAGAGGAAATCAGGACAACCAATCCCGTGGC-TACGGAGCAGTAT -3930
:
AAV5CG - AC—CAG-CGAGAGCGAGACGCAGCCGGTGAACCGGTGGCGTACAACGTCGGCG -3910

AAV2CG - GGTTCGTGTATCTACCAACCTCCAGAGAGGCAACAGACAAGCAGCTACCGCAGATG -3985
:
AAV5CG - GGCAGA-TGGCCACCAACAACCAGAGCTCCACC ACTGCCCCCGGACCGGCAGT -3964

FIG. 4G

AAV2CG	- TCAACACACAAGGCGTTCTTCCAGGCATGGTCTGGCAGGACAGAGATGTGTACCT -4040
	: : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG	- ACAACCTCCAGGAAATCGTGCCCGGCAGCGTGTGGATGGAGAGGGACGTGTACCT -4019
AAV2CG	- TCAGGGGCCCATCTGGGCAAAGATTCCACACACGGACGGACATTTTCACCCCTCT -4095
	: : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG	- CCAAGGACCCATCTGGGCCAAGATCCCAGAGACGGGGGCGCACTTTCACCCCTCT -4074
AAV2CG	- CCCCTCATGGGTGGATTGGACTTAACACCCTCCTCCACAGATTCTCATCAAGA -4150
	: : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG	- CCGGCCATGGCGGATTGGACTCAAACACCCACCGCCCATGATGCTCATCAAGA -4129
AAV2CG	- ACACCCCGGTACCTGCGAATCCTTCGACCACCTTCAGTG-CGGCAAAGTTTGCTT -4204
	: : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG	- ACACGCCGTGCCCCGGAATA-TC-ACCAGCTTCTCGGACGTGCCCGTCAGCAG -4181
AAV2CG	- CCTTCATCACACAGTACTCCACGGGACAGGTCAGCGTGGAGATCGAGTGGGAGCT -4259
	: : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG	- C-TTCATCACCCAGTACAGCACCGGGCAGGTCACCGTGGAGATGGAGTGGGAGCT -4235
AAV2CG	- GCAGAAGGAAAACAGCAAACGCTGGAATCCCGAAATTTCAGTACACTTCCAACACTAC -4314
	: : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG	- CAAGAAGGAAAACTCCAAGAGGTGGAACCCAGAGATCCAGTACACAAACAACTAC -4290
AAV2CG	- AACAACTCTGTTAATGTGGACTTTACTGTGGACACTAATGGCGTGATTTCAGAGC -4369
	: : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG	- AACGACCCCGAGTTTGTGGACTTTGCCCGGCAGCACCGGGGA-ATACAGAAC -4343

FIG. 4H

```

AAV2CG - CTC—GCCCCATTGGCACCAGATACCTGACTCGTAATCTGTAAT—TGCTTGT— -4418
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG - CACCAGACCTATCGGAACCGATACCTTACCCGACCCCTTTAACCCATTGTC -4398

AAV2CG - —TAA—TCAATAAACCGTTTAATTGTTTTAGTTGAACTTTGG—TCTCTGCGT -4467
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG - GCATACCCTCAATAAACCGTGTA—TTCGTGTCAGTAAAATACTGCCTCTTGTGGT -4452

AAV2CG - ATTTCTTTCT—TATCTAGTTTCCATGGCTACGTAGATAAGTAGCATGGCGGGTTA -4521
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG - CATTCAATGAATAACAGCTTACAACATCTACAAAACCTCCTTGCTTGA—GAGTGT -4506

AAV2CG - ATCATTAACTACAAGGAACCCCTAGTGATGGAGTTGCCCACTCCCTC—TCTGCCG -4575
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG - GGCCT—CTCCCC—CCTGTCGCGTTCCG—TCGCTCGCTGGCTCGTTTGGGG -4554

AAV2CG - GCTCGCTCGCTCACTGAG—GCCGGGCGACCAAAGGTGCCCCGACGCCCGGGCTT -4628
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG - GGGTGGCAGCTCAAAGAGCTGCCAGACGACGGCCCTCTGGCCGTGCCCC— -4604

AAV2CG - TGCCCGGGCGGCCTCAGTGAGCGAGCGAGCGCGCAGAGAGGGAGTGCCAA -4679
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5CG - —CCCAAACGAGC—CAGCGAGCGAGCGAACGCGACAGGGGGGAGAGTGCCA -4652

```

Identity : 3013 (64.77%)
 Number of gaps inserted in AAV2CG: 43
 Number of gaps inserted in AAV5CG: 63

==23-SEP-1999=====NALIGN=====PC/GENE=====

FIG.4I

==PC/GENE==

The two sequences to be aligned are:

AAV5VP1.
DE AAV5VP1
OS AAV5VP1
Total number of residues: 724.

```
Comparison matrix : Structure-genetic matrix.
Open gap cost    : 8
Unit gap cost    : 5
```

The character to show that two aligned residues are identical is ':'
The character to show that two aligned residues are similar is '.'
Amino acids said to be 'similar' are: A,S,T; D,E; N,Q; R,K; I,L,M,V; F,Y,W

AAV2VP1 - MAADGYLPDWLEDTLSEGI RQWWKLKPGPPPKPAERHKDDSRGLVLPGYKYLGP -55
 AAV5VP1 - MSFVDHPPDWLEE-VGEGLREFLGL EAGPPKPKPNQQHQDQARGLVLPGYNYLGP -54
 AAV2VP1 - FNLGDKGEPVNEADAAALEHDKAYDRQLDSDGNPYLKYNHADA EFQERLKEDTSF -110
 AAV5VP1 - GNGLDRGEPVNRAD E VAREHDI SYNEQLEAGDNPYLKYNHADA EFQEKLADDTSF -109
 AAV2VP1 - GGNLGRAVFQAKKRVLEPLGLVEEPVK TAPGKKRPVEHSPVEPDSSSGTGKAGQQ -165
 AAV5VP1 - GGNLGKAVFQAKKRVLEPFGLVEE GAKTAPTGKRIDDHFPKR—KKARTEEDSKP -162
 AAV2VP1 - PARKRLNFGQTGDADSVDPDQPLGQPPAAPSGLG T N T M A T G S G A P M A D N N E G A D G -220
 AAV5VP1 - STS——SDAEAGPSGSQQLQIP AQPASSLGADTMSAGGGGPLGDNNQGADG -210
 AAV2VP1 - VGNSSGNWHCDSTWMGDRVIT TSTRTWALPTYNHLYKQISSQSG—ASNDNHYFG -274
 AAV5VP1 - VGNASGDWHCDSTWMGDRVVT KSTRTWVLP SYNNHQYREIKSGSVDGSNANAYFG -265

FIG. 5A

Figure 1. Schematic representation of the experimental design. The subjects were divided into two groups: the control group and the experimental group. The control group received a standard diet and water, while the experimental group received a diet supplemented with 0.5% of the active ingredient. The subjects were divided into two groups: the control group and the experimental group. The control group received a standard diet and water, while the experimental group received a diet supplemented with 0.5% of the active ingredient. The subjects were divided into two groups: the control group and the experimental group. The control group received a standard diet and water, while the experimental group received a diet supplemented with 0.5% of the active ingredient.

AAV2VP1 - YSTPWGYFDNRFHCHFSPRDWQRLINNNWGF RPKRLNFKLFNIQVKEVTQNDGT -329
 : : : : : : : : : : : :
 AAV5VP1 - YSTPWGYFDNRFHSHWSPRDWQRLINNYWGF RPRSLRVKIFNIQVKEVTQDST -320
 : : : : : : : : : : : :
 AAV2VP1 - TTIANNLSTVQVFTDSEYQLPYVLGSAHQGCLPPFPADVFMVPQYGYLTLNNGS -384
 : : : : : : : : : : : :
 AAV5VP1 - TTIANNLSTVQVFTDDDYQLPYVVGNGTEGCLPAFPQVFTLPQYGYATLNRDN -375
 : : : : : : : : : : : :
 AAV2VP1 - Q—AVGRSSFYCLEYFPSQMLRTGNNTFSYTFEDVPFHSSYAHSQSLDRLMNPL -437
 : : : : : : : : : : : :
 AAV5VP1 - TENPTERSSFFCLEYFPSKMLRTGNNTFTYNFEVVPFHSSFAPSQNLFKLANPL -430
 : : : : : : : : : : : :
 AAV2VP1 - IDQYLYLSRTNTPSGTTTQSRLQFSQAGASDIRDQSRNWLPGPCYRQQRVSKTS -492
 : : : : : : : : : : : :
 AAV5VP1 - VDQYL YRFVSTNNTGG——VQFNKNLAGRYANTYKNWFGPMGRTQGWNLGS -479
 : : : : : : : : : : : :
 AAV2VP1 - ADNNNSEYSWTGATKYHLNGRDSL VNP GPAMASHKDDEEKF PQSGVLIFGKQGS -547
 : : : : : : : : : : : :
 AAV5VP1 - GVN RASVS AFTTNRMELEGASYQVPPQPNCGMTNNLQGSNTYALENTMIFNSQPA -534
 : : : : : : : : : : : :
 AAV2VP1 - EKTNVDI——EKVMI TDEEIRTTPVATEQYGSVSTNLQRGNRQAATADVNTQG -599
 : : : : : : : : : : : :
 AAV5VP1 - NPGTTATYLEGNMLITSESETQPVNRVAYNVGGQMATNNQSSTTAPATGTYNLQE -589
 : : : : : : : : : : : :
 AAV2VP1 - VLPGMVWQDRDVYLQGP I WAKIPHTDGHFHPSPLMGGFGLKHPPQILIKNTPVP -654
 : : : : : : : : : : : :
 AAV5VP1 - IVPGSWMERDVYLQGP I WAKIPETGAHFHPSPAMGGFGLKHPPPMMLIKNTPVP -644
 : : : : : : : : : : : :
 AAV2VP1 - ANPSTTFAAKFASFITQYSTGQVSVEIEWELQKENS KRWNPEIQYTSNYNKS VN -709
 : : : : : : : : : : : :
 AAV5VP1 - GNI—TSFSDVPVSSFITQYSTGQVTVEWELKKENS KRWNPEIQYTNNYNDPQF -698
 : : : : : : : : : : : :
 AAV2VP1 - VDF TVDTNGVYSEPRPIGTRYLTRNL -735
 : : : : : : : : : : : :
 AAV5VP1 - VDFAPDSTGEYRTTRPIGTRYLTRPL -724
 : : : : : : : : : : : :

Identity : 421 (58.2%)

Similarity: 63 (8.7%)

Number of gaps inserted in AAV2VP1: 3

Number of gaps inserted in AAV5VP1: 5

==23-SEP-1999==PC/GENE==

FIG.5B

 * ALIGNMENT OF TWO PROTEIN SEQUENCES. *

The two sequences to be aligned are:

REP78.

DE REP78

OS AAV

Total number of residues: 621.

AAV5REP.

DE REP

OS AAV5

Total number of residues: 610.

Comparison matrix : Structure-genetic matrix.

Open gap cost : 8

Unit gap cost : 5

The character to show that two aligned residues are identical is ':'

The character to show that two aligned residues are similar is '.'

Amino acids said to be 'similar' are: A,S,T; D,E; N,Q; R,K; I,L,M,V; F,Y,W

```

REP78      - MPGFEIVIKVPSDLGHLPGISDSFVNWVAEKEWELPPDSMDLNLIEQAPLTV -55
              : .....: ..: .....: ..: .....: : .....:
AAV5REP    - MATFYEIVRVPDFVEEHLPGISDSFVDWVTGQIWELPPESDLNLTLVEQPQLTV -55

REP78      - AEKLQRDFLTEWRRVSKAPEALFFVQFEKGESYFHMHLVETTGVKSMVLGRFLS -110
              ....: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5REP    - ADRIIRVFLYEWNKFSKQ-ESKFFVQFEKGSEYFHLHTLVETSGISSMVLGRYVS -109

REP78      - QIREKLIQRIYRGIEPTLPNWF AVTKTRNGAGGKNKVDECYIPNYLLPKTQPEL -165
              ::: : . . : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5REP    - QIRAQLVKVVFQGI EPQINDWVAITKVKKG-GANKVVDSGYIPAYLLPKVQPEL -162

REP78      - QAWTNMEQYLSACLNLTERKRLVAQHLTHVSQTQE QNKENQNPNSDAPVIRSKT -220
              : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5REP    - QAWTNLDEYKLAALNLEERKRLVAQFLA-ESSQRSQEAASQREFSADPVIKSKT -216

REP78      - SARYMELVGWLVDKGITSEKQWIQEDQASYISFNAASNSRSQIKAALDNAGKIMS -275
              : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5REP    - SQKYMALVNWLVHGITSEKQWIQENQESYLSFNSTGNSRSQIKAALDNATKIMS -271
  
```

FIG.6A

09747789.42100

```

REP78      - LTKTAPDYLVGQQPVEDISSNRIYKILELNGYDPQYAASVFLGWATKKFGKRNTI -330
             ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
AAV5REP    - LTKSAVDYLVGSSVPEDISKNRIWQIFEMNGYDPAYAGSILYGWCQRSFNKRNTV -326

REP78      - WLFGPATTGKTNIAEAIAHTVPFYGCVNWTNENFPFNDKVDKMWIWWEEGKMTAK -385
             :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
AAV5REP    - WLYGPATTGKTNIAEAIAHTVPFYGCVNWTNENFPFNDKVDKMLIWWEEGKMTNK -381

REP78      - VVESAKAILGGSKVRVDQKCKSSAQIDPTPVI VTSNTNMCVIDGNSTTFEHQQP -440
             :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
AAV5REP    - VVESAKAILGGSKVRVDQKCKSSVQIDSTPVI VTSNTNMCVVVDGNSTTFEHQQP -436

REP78      - LQDRMFKFELTRRLDHDFGKVTKQEVKDFFRWAKDHVVEVEHEFYVKKGGAKKRP -495
             :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
AAV5REP    - LEDRMFKFELTKRLPPDFGKI TKQEVKDFFAWAKVNQVPVTHEFKV-----PRELA -487

REP78      - APSDADISEPKRVRESVAQPSTSDAEASINYADRYQNKCSRHVGMNLMLFPCRQC -550
             ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
AAV5REP    - GTKGAES-LKRPLGDVTNTSYKSLEKRARLSFVPETPRSSDVTVDPA-PLRPL -539

REP78      - ERMNQNSNICFTHGQKDCLECFPVSESQPVSVVKKAYQKLCYIHHIMGKVPDACT -605
             ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
AAV5REP    - NWNSRYDCKCDYHAQFDNI-SNKCDECEYLNRGKNGCICHNVTHCQICHGIPPWE -593

REP78      - ACDLVNV-DLDDCIFEQ -621
             ::::: ::::: :::::
AAV5REP    - KENLSDFGDFDDANKEQ -610

```

Identity : 363 (59.51%)

Similarity: 55 (9.02%)

Number of gaps inserted in REP78: 1

Number of gaps inserted in AAV5REP: 7

==23-SEP-1999=====PALIGN=====PC/GENE=====

FIG.6B

Apical transduction of human airway epithelia with rAAV2 and rAAV5

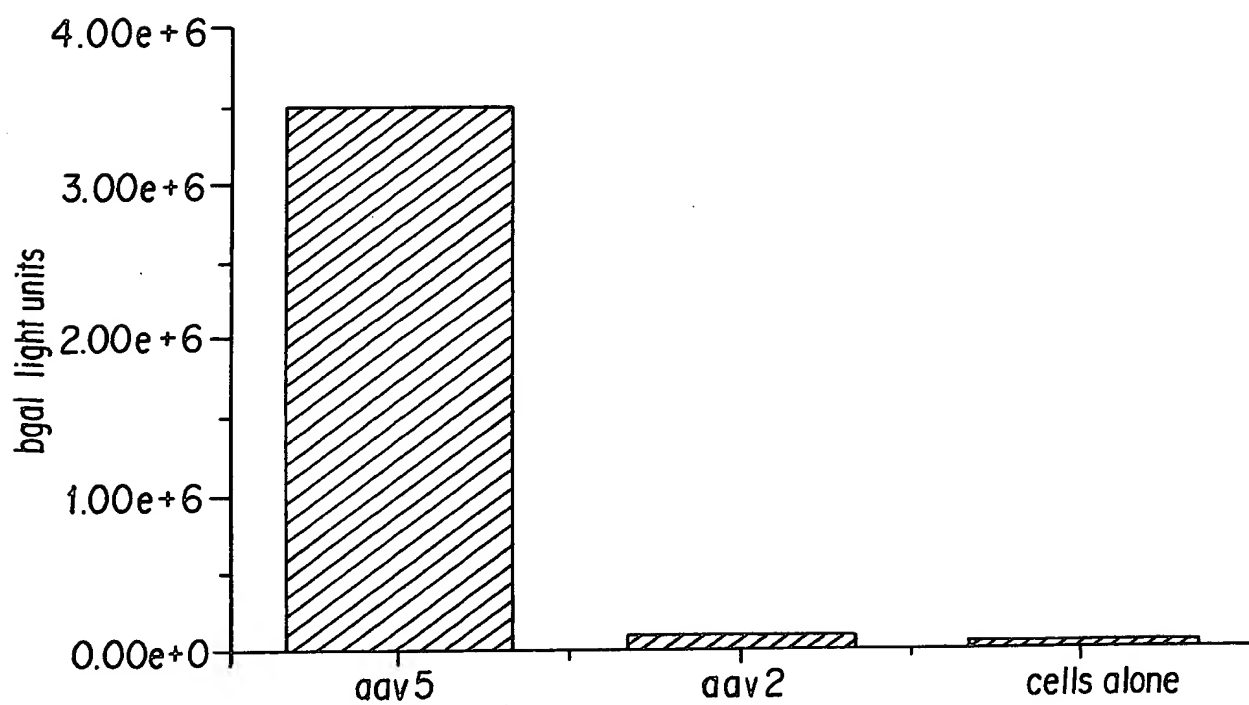


FIG. 7

transduction of primary myoblasts

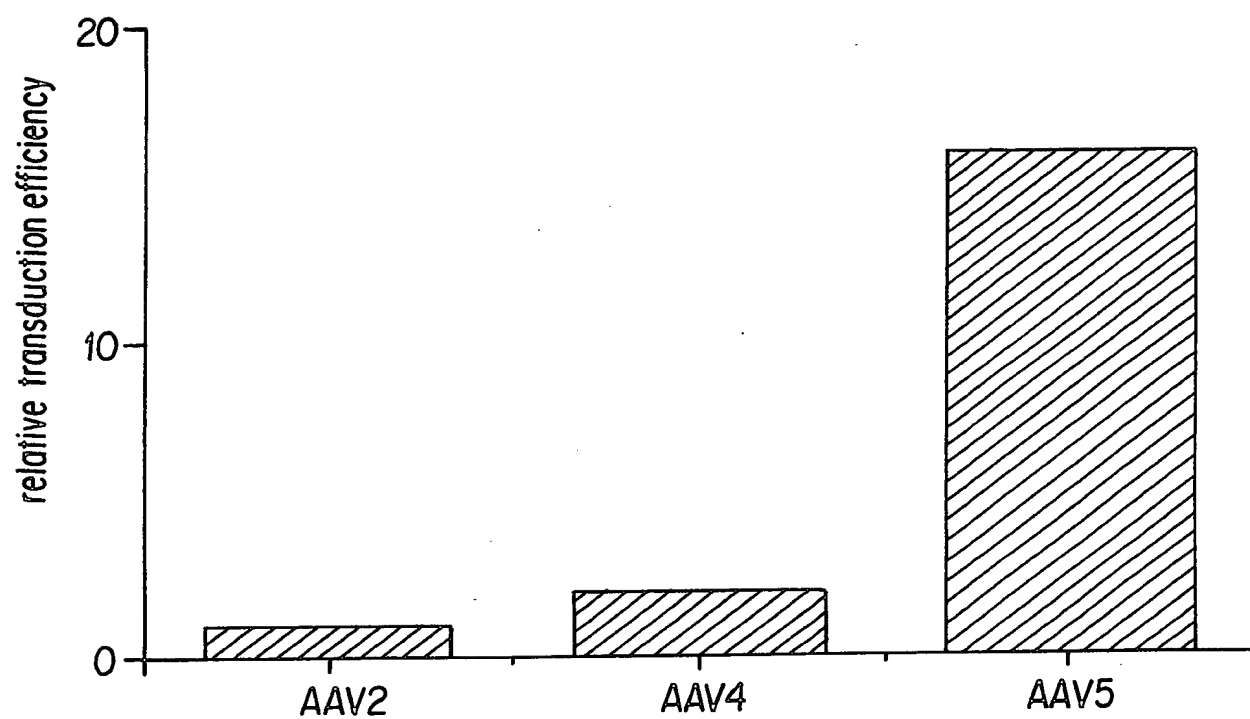


FIG. 8

09717789 112100
001211 6847160

rAAV5 Primary Rat Brain Explant



FIG.9

09717789.112100

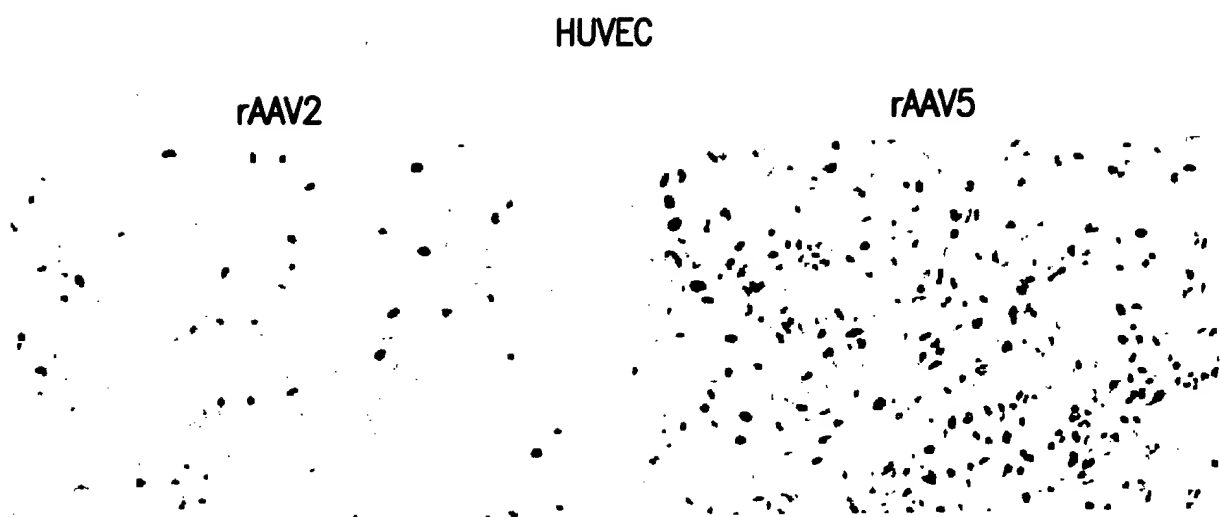


FIG.10